



Semnan University



Research Article

Molecular detection of *Coxiella burnetii* among camel's blood in Semnan County

Omid Mohammadi¹, Hamid Reza Mohammadi², Mehran Ghaemi Bafghi^{3*}.

Abstract

Q fever is an important zoonotic disease caused by *Coxiella burnetii*, which can be present in animals-especially camels-without clinical signs and act as a potential reservoir for human infection. This study aimed to molecularly detect and determine the prevalence of *C. burnetii* in camels from Semnan County using PCR. Blood samples were randomly collected from 50 camels, and data including age and sex were recorded. Samples were collected into EDTA tubes, transported on ice to the laboratory, and buffy coats were separated. DNA was extracted using a commercial kit according to the manufacturer's instructions. PCR was performed using *C. burnetii*-specific primers with positive and negative controls, and amplified products were analyzed by agarose gel electrophoresis. The results showed that none of the samples exhibited the specific *C. burnetii* band. Accordingly, no evidence of Q fever infection was observed in the blood samples of camels from Semnan County. Considering the importance of this zoonotic disease, further studies on different livestock species across various regions of the country are recommended.

Keywords: Camel, *Coxiella burnetii*, Semnan.

1. Faculty of Veterinary Medicine, University of Semnan, Semnan, Iran.

2. Department of Clinical sciences, Faculty of Veterinary Medicine, Semnan University, Semnan, Iran.

3. Department of Pathobiology, Faculty of Veterinary Medicine, Ferdowsi University, Mashhad, Iran.

*Corresponding author: m.ghaemi@um.ac.ir

DOI: [10.22075/jvlr.2026.39562.1192](https://doi.org/10.22075/jvlr.2026.39562.1192)

Received: 05.11.2025

Revised: 29.12.2025

Accepted: 12.01.2026

How to Cite this Article:

Mohammadi, O. , mohammadi, H. and Ghaemi Bafghi, M. (2026). Molecular detection of *Coxiella burnetii* among camel's blood in Semnan County. *Journal of Veterinary Laboratory Research*, 18(1), 89-95.

doi: [10.22075/jvlr.2026.39562.1192](https://doi.org/10.22075/jvlr.2026.39562.1192)





ردیابی مولکولی کوکسیلا بورتتی در خون شترهای شهرستان سمنان

امید محمدی^۱، حمیدرضا محمدی^۲، مهران قائمی بافقی^۳ 

خلاصه

تب کیو یکی از بیماری‌های مهم زئونوز بوده که عامل آن کوکسیلا بورتتی (*Coxiella burnetii*)، می‌تواند بدون بروز علائم بالینی در دام‌ها، به‌ویژه شتر، حضور داشته باشد و نقش مخزن بالقوه‌ای در انتقال به انسان ایفا کند. هدف این مطالعه، شناسایی مولکولی و تعیین میزان شیوع کوکسیلا بورتتی در شترهای شهرستان سمنان با استفاده از روش PCR بود. از ۵۰ نفر شتر به‌صورت تصادفی نمونه خون گرفته شد و اطلاعات شتر شامل سن و جنس یادداشت شد و در لوله‌های EDTA و در کنار یخ به آزمایشگاه انتقال یافت و پس از جداسازی بافی‌کوت، نمونه‌ها در دمای ۲۰- درجه سانتی‌گراد نگهداری و استخراج DNA با استفاده از کیت تجاری مطابق دستورالعمل سازنده انجام شد. واکنش PCR با پرایمرهای اختصاصی کوکسیلا بورتتی و همراه با نمونه‌های کنترل مثبت و منفی انجام گردید و محصولات تکثیرشده توسط الکتروفورز ژل آگارز مورد بررسی قرار گرفت. نتایج نشان داد هیچ‌یک از نمونه‌های مورد بررسی دارای باند اختصاصی کوکسیلا بورتتی نبودند. بر این اساس، در نمونه‌های خون شترهای شهرستان سمنان آلودگی به عامل تب کیو مشاهده نشد. با توجه به اهمیت این بیماری مشترک انسان و دام، انجام مطالعات گسترده‌تر بر روی دام‌های مختلف در مناطق گوناگون کشور توصیه می‌شود.

واژه‌های کلیدی: سمنان، شتر، کوکسیلا بورتتی.

۱. دانشکده دامپزشکی، دانشگاه سمنان، سمنان، ایران.

۲. گروه علوم درمانگاهی، دانشکده دامپزشکی، دانشگاه سمنان، سمنان، ایران.

۳. گروه پاتوبیولوژی، دانشکده دامپزشکی، دانشگاه فردوسی مشهد، مشهد، ایران.

*نویسنده مسئول: m.ghaemi@um.ac.ir

DOI: [10.22075/jvlr.2026.39562.1192](https://doi.org/10.22075/jvlr.2026.39562.1192)

دریافت: ۱۴۰۴/۰۸/۱۴

بازنگری: ۱۴۰۴/۱۰/۰۸

پذیرش: ۱۴۰۴/۱۰/۲۲

مقدمه

تب کيو یک بیماری مشترک بين انسان و دام است که در سراسر جهان به جز نيوزلند، انتشار دارد. این بیماری توسط کوكسیلا بورتتي، یک باکتری درون سلولی و گرم منفی ایجاد می شود. بسیاری از گونه های پستانداران، پرندگان و کنه ها در طبیعت مخزن کوكسیلا بورتتي هستند. عفونت کوكسیلا بورتتي اغلب در حیوانات نهفته است و بدین ترتیب باکتری ها در محیط منتشر می شوند. در دام های ماده در زمان زایمان، میلیون ها باکتری در هر گرم جفت آزاد می شوند. تب کيو در حیوانات اغلب بدون علامت است مگر در مواردی که باعث سقط جنین، مرده زایی، اندومتريت یا ناباروری شود (Shujat et al., 2024; Raoult et al., 2005). شتر قادر به دفع مقادیر بالایی از باکتری از خون، شیر، ادرار و به خصوص ترشحات زایمان و بافت هایی مانند جفت، می باشد (Janati et al., 2015). کنه های دامی از مخازن طبیعی و بالقوه این باکتری می باشند و در زنجیره انتقال بیماری تب کيو نقش مؤثری دارند (Asadollahi-Zoj et al., 2022).

انسان ها معمولاً توسط آئروسل های آلوده حیوانات اهلی و به ویژه پس از تماس با دام های ماده تازه زایمان کرده و ترشحات و محصولات حاصل از زایمان آن ها آلوده می شوند؛ به نظر می رسد روش PCR ابزار مفیدی است که ممکن است زمان تشخیص کوكسیلا بورتتي را در طول عفونت های سیستمیک خطرناکی مانند اندوکاردیت کاهش دهد (Naderipour et al., 2014). در ارگانيسم آلوده، کوكسیلا بورتتي همواره درون سلولی تکثیر می یابد و تاکنون گزارشی مبنی بر تکثیر برون سلولی آن در پستانداران ارائه نشده است. سلول های میزبان شامل سلول های جانوران خونسرد مانند بندپایان و ماهی ها و همچنین سلول های جانوران خونگرم نظیر پرندگان، جوندگان، کیسه داران و به ویژه حیوانات اهلی و دام هستند. در سلول های جفتی گوسفند، تعداد پاتوژن می تواند به ۱ میلیارد عدد در هر گرم بافت جفتی برسد. عفونت با کوكسیلا بورتتي در حیوانات خانگی معمولاً بدون علامت بالینی است. در فاز حاد، پاتوژن را می توان در خون و اندام هایی مانند ریه، کبد و طحال تشخیص داد. در فاز مزمن، کوكسیلا بورتتي از طریق مدفوع و ادرار و همچنین شیر دفع می شود. حیوانات آبستن ممکن است دچار سقط جنین (گوسفند و بز) و تولید نوزادان با وزن کم هنگام تولد (گاو) شوند. میزان بالایی از کوكسیلا را می توان در محصولات زایمان مانند جفت و در حیوان نوزاد

یافت (Guertler et al., 2014). تب کيو در دام ها، به ویژه در شتر، اغلب بدون علائم بالینی و درمانگاهی ظاهر می شود. این ویژگی باعث می شود شتر به صورت بالقوه نقش مهمی به عنوان حامل و مخزن عامل بیماری برای انسان ایفا کند. با توجه به ماهیت زئونوز بودن بیماری و خطرات ناشی از کوكسیلا بورتتي برای سلامت انسان، شناسایی و ردیابی مولکولی این عامل در شتر از اهمیت ویژه ای برخوردار است. تب کيو علاوه بر تأثیرات منفی بر سلامت عمومی، اثرات قابل توجهی بر صنعت دامپروری دارد. خساراتی همچون سقط جنین، ناباروری، جفت ماندگی و سایر عوارض مرتبط می تواند بهره وری دامداری ها را به شدت کاهش دهد. بنابراین، شناسایی و کنترل این عامل می تواند به جلوگیری از زیان های اقتصادی در این صنعت کمک کند. با وجود گزارش هایی از شیوع سرمی و مولکولی تب کيو در برخی از استان های ایران، تاکنون هیچ مطالعه ای بر روی این عامل در استان سمنان انجام نشده است. به طور کلی، اطلاعات موجود درباره ارزیابی و ردیابی کوكسیلا بورتتي در شتر در ایران بسیار محدود است. لذا هدف پژوهش حاضر اطلاع از وضعیت آلودگی به تب کيو و شیوع آن در شترهای شهرستان سمنان بود.

مواد و روش کار

بر اساس اعلام از اداره کل دامپزشکی استان سمنان، تعداد ۲۱۴۰ نفر شتر در محدوده شهرستان سمنان وجود دارد که در این مطالعه از تعداد ۵۰ نفر شتر به روش تصادفی از گله های مختلف از مهرماه تا خردادماه ۱۴۰۳ از شهرستان سمنان و کشتارگاه دام شرق گوشت سمنان نمونه گیری صورت پذیرفت.

اطلاعات مربوط به سن، جنس، نژاد، تاریخچه و ارزیابی بالینی هر شتر به همراه اطلاعات دامدار است، یادداشت شد. از هر دام در لوله های آزمایش دارای ضدانعقاد EDTA خون گیری صورت گرفت و بافی کوت از هر نمونه خون کامل جدا شده، به میکروتیوب منتقل شد و شماره گذاری صورت پذیرفت. در پایان میکروتیوب به فریزر -۲۰ درجه سانتیگراد انتقال یافت و تا زمان انجام استخراج DNA نگهداری شد.

نحوه جداسازی بافی کوت از نمونه های کامل خون شتر
برای این کار ابتدا نمونه های کامل خون به مدت ۱۰ دقیقه در دستگاه سانتریفیوژ با دور RPM ۳۰۰۰ قرار داده شد. پس از انجام سانتریفیوژ، نمونه ی خون کامل به سه قسمت تقسیم شد، قسمت بالایی لوله، پلاسما ی خون، قسمت پایینی لوله، گلبول های قرمز خون و قسمت میانی بافی کوت می باشد که

شامل لوکوسیت‌ها (گلبول‌های سفید) و پلاکت‌ها است و برای استخراج DNA در این تحقیق، از این قسمت استفاده شد. به منظور جداسازی بافی کوت، ابتدا لایه بالایی (پلاسما) کامل با سمپلر برداشته شد. سپس میزان ۶۰۰ تا ۸۰۰ میکرولیتر از لایه بافی کوت برداشته و در میکروتیوب ۱/۵ میلی‌لیتری جدا شد.

جداسازی DNA

مراحل استخراج DNA با استفاده کیت استخراج DNA دنازیست آسیا (ایران) و مطابق با توصیه شرکت سازنده برای هر نمونه انجام شد.

پس از استخراج DNA نمونه‌ها، برای اطمینان از کارکرد و کیفیت کیت استخراج DNA، مقدار DNA نمونه‌ها در دستگاه نانودراپ بر حسب میکروگرم بر میلی‌لیتر یا نانوگرم بر میکرولیتر سنجیده شد و سپس DNA به دست آمده به راک منتقل و در دمای ۲۰- درجه سانتی‌گراد تا زمان انجام PCR نگهداری شد.

پرایمرها بر اساس ترادف اختصاصی ژن *IS1111* کوکسیلا بورنتی انتخاب گردید (Abdullah et al., 2019):

Trans 1m (modified):

5'-GTATCCACCGTAGCCAGT-'3

Trans 2:

5'-CCCAACAACACCTCCTTATTC-'3

جهت بررسی وضعیت آلودگی به عامل خونی کوکسیلا بورنتی پس از ذوب شدن هر نمونه DNA ابتدا پیتینگ انجام شد.

پس از انجام پیتینگ، ۳ میکرولیتر از نمونه DNA به لوله‌های پرمیکس PCR اضافه گردید. پس از آماده‌سازی مخلوط اصلی واکنش PCR در مجاورت یخ و همگن‌سازی مخلوط واکنش، با استفاده از پرایمرهای اختصاصی کوکسیلا بورنتی (ژن *IS1111*، 683 bp) اقدام به تکثیر قطعه هدف طی سیکل‌های حرارتی و زمانی PCR صورت گرفت. لازم به ذکر است در هر سری واکنش کنترل مثبت و کنترل منفی (آب مقطر) در کنار نمونه‌ها قرار داده شد تا نتایج حاصل از PCR قابل اعتماد باشد. پس از آماده‌سازی و اطمینان از بسته بودن درب تمامی نمونه‌ها، در دستگاه ترموسایکلر XP *cycler* که از قبل برنامه خاص PCR به آن داده شده، قرار گرفت (جدول ۱).

از الکتروفورز ژل آگارز نیز جهت بررسی، تفکیک و شناسایی محصولات PCR استفاده شد. برای انجام الکتروفورز ۰/۷۲ گرم از پودر آگارز در ۶۰ سی‌سی بافر TAE 1X حل گردید. برای الکتروفورز محصول PCR غلظت حدود ۱/۲٪ آگارز استفاده گردید. الکتروفورز ژل آگارز با ولتاژ ثابت ۱۰۰ ولت حدوداً به مدت ۱ ساعت انجام شد. بررسی باند موردنظر در کنار کنترل مثبت تعبیه شده و کنترل منفی (نمونه فاقد DNA) و شاخص وزن مولکولی (مارکر ۱۰۰ جفت بازی) صورت گرفت. همچنین حضور DNA ژنومی در تعدادی از نمونه‌های DNA استخراج شده از خون با ژل الکتروفورز بررسی شد.

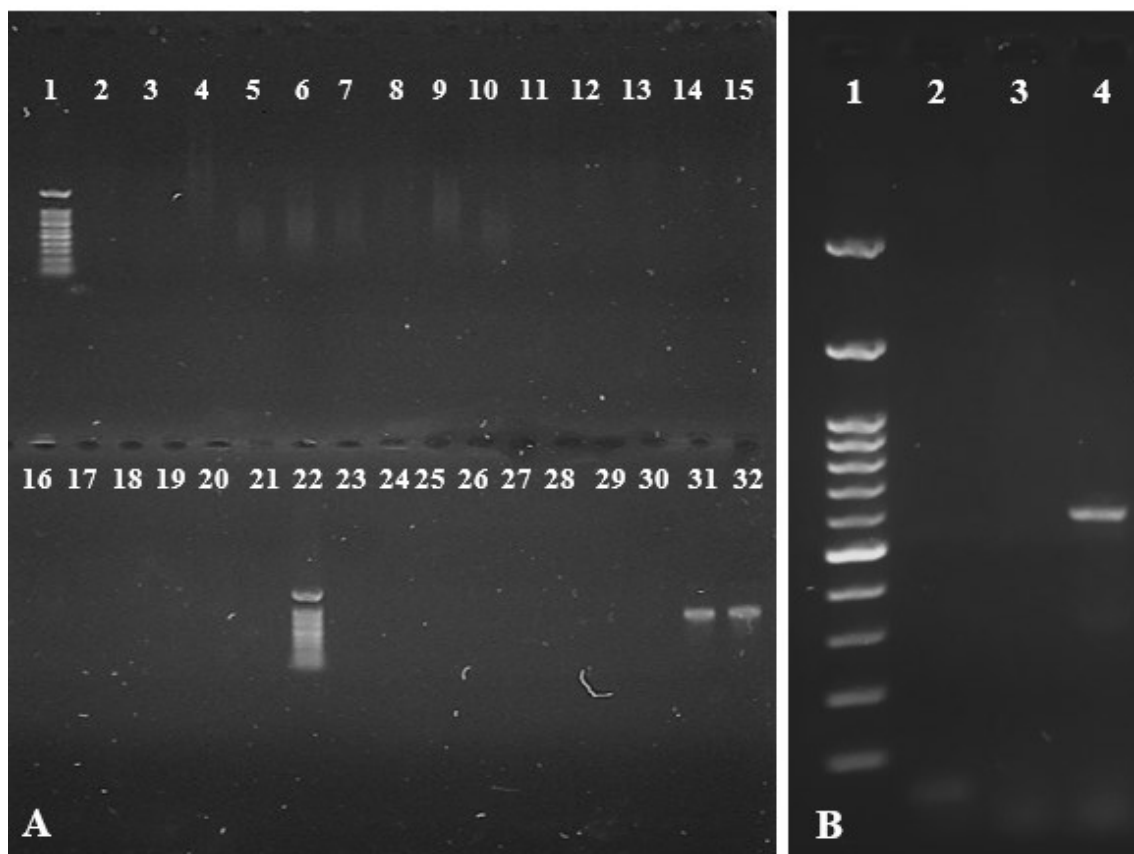
جدول ۱- برنامه دمایی PCR در دستگاه ترموسایکلر

تعداد دفعات تکرار	زمان (بر حسب ثانیه)	دما (بر حسب درجه سانتیگراد)
۱	۳۰۰S	۹۵
۳۵	۲۰S	۹۵
	۲۰S	۶۰
	۲۰S	۷۲
	۳۰۰S	۷۲
۱		

نتایج

مثبتی از کوکسیلا بورنتی یافت نشد (تصویر ۱).

از میان ۵۰ نمونه‌ای که از گله‌های مختلف شهرستان سمنان و کشتارگاه دام شرق گوشت سمنان اخذ گردید، هیچ نمونه‌ی



شکل ۱- عکس‌های ژل آگارز که محصولات PCR کوکسیلا بورتی در نمونه‌های خون شتر بر روی آن الکتروفورز شده است. عکس (A) دورنمایی از ژل الکتروفورز شده که در خطوط ۱ و ۲۲ شاخص وزن ۱۰۰ جفت بازی مشاهده می‌شود. در خط ۳۰ نمونه کنترل منفی (NTC) و در خطوط ۳۱ و ۳۲ نمونه‌های کنترل مثبت نشان داده شده است. سایر خطوط مربوط به نمونه‌های مورد آزمایش می‌باشد. عکس (B) تصویر دیگری از ژل آگارز که در خط ۱ شاخص وزن ۱۰۰ جفت بازی پلاس، در خط ۲ یکی از نمونه‌های مورد آزمایش، در خط ۳ نمونه کنترل منفی (NTC) و در خط ۴ نمونه کنترل مثبت نشان داده شده است.

بحث

شترها که مورد آزمایش qPCR قرار گرفتند، تعداد ۴ نمونه مثبت شد. شیوع مولکولی بیماری تب‌کیو ۲/۴ درصد (۰/۱ تا ۴/۷ درصد، با حدود اطمینان ۹۵ درصد) تعیین گردید. در مقایسه با مطالعه حاضر، شیوع بالاتری توسط Jannatipoor و همکاران (۲۰۱۷) گزارش گردید که علل احتمالی این تفاوت می‌تواند استفاده از روش مولکولی Real-time PCR با حساسیت بالاتر و نیز زمان و مکان متفاوت نمونه‌برداری باشند.

طی مطالعه‌ای برای شناسایی DNA کوکسیلا بورتی در مجموع ۳۶۷ نمونه بالینی شامل خون، شیر، مدفوع و ادرار از نمونه‌های بالینی از شتر، بز، گاو و گوسفند در عربستان سعودی جمع‌آوری گردید که همگی تحت تکثیر PCR قرار گرفتند. نمونه‌های مثبت از شتر، بز و گاو به دست آمد که نتایج مطالعه شیوع بسیار بیشتر کوکسیلا بورتی در مقایسه

بر اساس تحقیق انجام گرفته توسط Heidari و همکاران (۲۰۲۳) در استان فارس، خون‌گیری از ۱۱۳ شتر به ظاهر سالم در استان فارس به عمل آمد که با استفاده از تکنیک مولکولی Nested-PCR مشخص شد که ۶/۱۹٪ از شترها (۷ مورد از ۱۱۳ مورد) به کوکسیلا بورتی آلوده بودند. از دلایل احتمالی شیوع بیماری در استان فارس و عدم شیوع در مطالعه ما می‌تواند اقلیم متفاوت در استان‌های فارس و سمنان و نیز استفاده از تکنیک Nested-PCR باشد که می‌تواند حساسیت ردیابی کوکسیلا بورتی را بیشتر کند. بر اساس تحقیقی از Jannatipoor و همکاران (۲۰۱۷) تعداد ۱۶۷ نفر شتر از ۱۱ واحد اپیدمیولوژیکی (استان‌های خراسان رضوی، جنوبی و شمالی) به‌روش نمونه‌گیری تصادفی خوشه‌ای انتخاب شدند. در مجموع از ۱۶۷ نمونه خون کامل

با مطالعات مولکولی مشابه در ایران را نشان می‌دهد (Mohammed et al., 2014).

اطلاعات اپیدمیولوژیک در مورد کوکسیلا بورتی در شتر در مصر نیز محدود است ولی بر اساس نتایج تحقیقی شیوع به دست آمده از طریق سنجش qPCR (۱۶/۹٪) بود (Abdullah et al., 2019) که در این مطالعه نیز شیوع بالاتری نسبت به مطالعات مولکولی مشابه در ایران دیده می‌شود.

مطالعات انجام شده نشان دادند که زمان نمونه‌گیری نقش بسیار مهمی در شیوع تب کيو در میزبان‌های متعدد دارد. بطوریکه در مطالعه‌ای که توسط رحیمی و همکاران در سال ۲۰۲۵ از بررسی ۳۵۰ نمونه سرم اسب در فصل زمستان انجام شد هیچ نمونه مثبتی جداسازی نگردید و گزارش شده که در این فصل به علت عدم فعالیت کنه‌های سخت (ناقلین اصلی کوکسیلا بورتی) شیوع سرمی تب کيو در میزبانان بسیار کمتر از دیگر فصول می‌باشد (Narouei et al., 2025). از طرفی به دلیل حضور کمتر کنه‌های سخت در شتر احتمال شیوع تب کيو با میزان کمتر در شتر نسبت به دیگر میزبان محتمل است، بطوری که هیچ کدام از شترهای بررسی شده در مطالعه حاضر، آلودگی به کنه را نشان ندادند.

نتیجه گیری

تب کيو به عنوان یک بیماری زئونوز به لحاظ بهداشت عمومی بسیار حائز اهمیت می‌باشد، بطوری که شیوع این بیماری در انسان در کشور ایران 3.3٪ تعیین شده است (Motamedi et al., 2025). از آنجا که این بیماری در شتر بدون علائم بالینی می‌باشد و شتر می‌تواند نقش مهمی به عنوان حامل بیماری برای انسان داشته باشد در این مطالعه شیوع کوکسیلا بورتی در خون شتر مورد بررسی قرار گرفت که هیچ مورد مثبتی از عفونت به تب کيو در این مطالعه شناسایی نشد.

به نظر می‌رسد تعداد و تراکم کم گله‌های شتر در شهرستان سمنان، تعداد و تراکم کم دیگر مخازن کوکسیلا بورتی (دام‌های اهلی مانند گاو، گوسفند و ...) در مجاورت شترهای شهرستان سمنان، از جمله دلایل عدم وجود مورد مثبت شیوع مولکولی کوکسیلا بورتی در میان شترهای شهرستان سمنان باشد.

تشکر و قدردانی

نویسندگان مطالعه حاضر از اعضاء محترم گروه پاتوبیولوژی دانشکده دامپزشکی دانشگاه فردوسی مشهد و دانشگاه سمنان به دلیل حمایت‌های ارزشمندشان در پیشبرد و فراهم کردن امکانات لازم قدردانی می‌نمایند.

تعارض منافع

هیچ گونه تعارض منافی در ارتباط با این مطالعه وجود ندارد.

مشارکت های نویسندگان

امید محمدی در انجام آزمایشات و تحلیل داده ها، مهران قائمی بافقی در طراحی آزمایشات، انجام آزمایشات، تحلیل داده ها و نگارش متن، حمیدرضا محمدی در طراحی آزمایشات، تحلیل داده ها و نگارش متن و علی مهدوی در تحلیل داده ها و نگارش متن مشارکت داشته اند.

منابع مالی

هزینه‌های مربوط به انجام تحقیق از محل پژوهانه نویسنده مسئول از دانشگاه سمنان تامین شده است.

بیانیه اخلاقی

این مقاله مستخرج از پایان نامه دکتر امید محمدی دانش آموخته دانشکده دامپزشکی دانشگاه سمنان است و اخلاق زیستی مطابق با بیانیه هلسینکی در این تحقیق رعایت شده است.

References

- Abdullah, H. H., Hussein, H. A., Abd El-Razik, K. A., Barakat, A. M., & Soliman, Y. A. (2019). *Q fever: A neglected disease of camels in Giza and Cairo Provinces, Egypt. Veterinary World*, 12(12), 1945–1950. <https://doi.org/10.14202/vetworld.2019.1945-1950>
- Asadollahi-Zoj, S., Saadati, D., Rasekh, M., Jafari, A. S., Jafari Nozad, M., & Hosseini Chegini, A. (2022). *Molecular investigation of Coxiella burnetii in hard ticks collected from some livestock in the Sistan region. Jundishapur Journal of Medical Sciences*, 21(3), 328–339. [Persian] <https://doi.org/10.32598/JSMJ.21.3.2460>
- Asian Pacific Journal of Tropical Medicine, 7(9), 715–719. [https://doi.org/10.1016/S1995-7645\(14\)60122-X](https://doi.org/10.1016/S1995-7645(14)60122-X)
- Guertler, L., Bauerfeind, U., Bluemel, J., Burger, R., Drosten, C., Groener, A., ... & Willkommen, H. (2014). *Coxiella burnetii – pathogenic agent of Q (query) fever. Transfusion Medicine and Hemotherapy*, 41(1), 60.
- Heidari, F., Sharifi Yazdi, H., Nazifi, S., Ghane, M., & Hosseinzadeh, S. (2023). *Coxiella burnetii and Borrelia spp. in peripheral blood of dromedary camels in the Fars region, Iran: molecular characterization, hematological parameters, and acute-phase protein alterations. Iranian Journal of Veterinary Research*, 24(3), 174–181. <https://doi.org/10.22099/IJVR.2023.46933.6746> [Persian]
- Janati-Pirouz, H., Mohammadi, G., Mehrzad, J., Azizzadeh, M., & Nazem Shirazi, M. H. (2015). Seroepidemiology of Q fever in one-humped camel population in northeast Iran. *Tropical Animal Health and Production*, 47(7), 1293–1298. <https://doi.org/10.1007/s11250-015-0862-z>
- Jannatipoor, M. H., Mohammadi, G., Mehrzad, J., & Aziz-zadeh, M. (2017). Investigation of *Coxiella burnetii* contamination in the dromedary camel population of north-east Iran by qPCR. In *Proceedings of the 2nd National Dromedary Camel Congress*. <https://doi.org/10.22092/aasrj.2017.115829> [Persian]
- Mohammed, O. B., Jarelnabi, A. A., Aljumaah, R. S., Alshaikh, M. A., Bakhiet, A. O., Omer, S. A., ... & Hussein, M. F. (2014). *Coxiella burnetii, the causative agent of Q fever in Saudi Arabia: molecular detection from camel and other domestic livestock*.
- Motamedi, S., Rashidian, E., Jaydari, A., Rahimi, H., & Khademi, P. (2025). Epidemiological and molecular survey of coxiella burnetii from the serum of patients suspected of brucellosis in west of Iran. *Infection, Genetics and Evolution*, 130, Article 105743. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2025.105743>
- Naderipour, Z., Golchin, M., & Khalili, M. (2014). Design of an ELISA kit for detection human acute Q fever. *Iranian Journal of Medical Microbiology*, 8(2), 28–34. [Persian]
- Narouei, M., Rahimi, H., Kafshdouzan, K. First molecular detection of Francisella tularensis and investigation of Coxiella burnetii in horse sera in Iran, *Veterinary and Animal Science*. 2025. 30. Volume 30,100529 <https://doi.org/10.1016/j.vas.2025.100529>.
- Raoult, D., Marrie, T. J., & Mege, J. L. (2005). *Natural history and pathophysiology of Q fever. The Lancet Infectious Diseases*, 5(4), 219–226. [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(05\)70052-9](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(05)70052-9)
- Shujat, S., Shehzad, W., Anjum, A., Hertl, J., Gröhn, Y. T., & Zahoor, M. Y. (2024). Molecular identification of *Coxiella burnetii* in raw milk samples collected from farm animals in districts Kasur and Lahore of Punjab, Pakistan. *PLOS ONE*, 19(3), e0301611. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0301611>